

Polymorfismus lokusů CSN3 a LGB a jejich vztah k parametrům mléčné užitkovosti u českého strakatého skotu

Polymorphism of *CSN3* and *LGB* loci and their relation to milk production parameters in czech fleckvieh

Jitak Kučerová¹, Aleš Matějčík², Eva Němcová¹, Olga Jandurová³, Miloslava Štípková¹, Josef Bouška¹

¹Výzkumný ústav živočišné výroby Praha - Uhřetěves, Oddělení chovu skotu

²Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích, Zemědělská fakulta, Katedra speciální zootechniky

³Výzkumný ústav rostlinné výroby, Výzkumná stanice vinařská

Summary

440 individuals of Czech Fleckvieh were genotyped for *CSN3* (kappa-casein) and *LGB* (beta-lactoglobulin) loci using the PCR-RFLP method. Breeding values were obtained from Official Database of Progeny Testing. The aim was to find the relation between *CSN3* genotypes, *LGB* genotypes and breeding values for milk production parameters. There was found significant relation between *CSN3* genotypes and breeding values for protein content and protein yield. *LGB* locus was not significantly related to any observed parameter.

Úvod

Geny pro kapa-kasein (*CSN3*) a beta-laktoglobulin (*LGB*) se nacházejí na 6., resp. 11. bovinním chromozomu a ovlivňují zejména technologické vlastnosti mléka, ale také jeho množství a složení (Jandurová et al., 2002). Informace o polymorfismu takových genů, které korelují s užitkovými vlastnostmi skotu, odčerpávají určitý podíl rozptylu a umožňují přesnější odhad plemenné hodnoty (Fl'ak, 2000).

Materiál a metodika

Celkem bylo sledováno 440 jedinců českého strakatého skotu - 5 dědů (otců býků), 33 synů (býků v testu) a 402 vnuček (plemenic na 1. normované laktaci), u nichž byly zjišťovány genotypy *CSN3* a *LGB* pomocí metody polymerázové řetězové reakce a polymorfismu délky restrikčních fragmentů (PCR-RFLP) (Saiki et al., 1985; Smith a Wilcox, 1970). DNA byla získána z krve, popř. inseminačních dávek. Plemenné hodnoty pro produkci mléka, bílkovin, tuku a obsah bílkovin a tuku byly převzaty z centrální databanky kontroly užitkovosti skotu. Soubor byl vyhodnocen v programu SAS za použití procedury MIXED a metody maximální restringované věrohodnosti (REML) podle následujícího smíšeného modelu:

$$\mathbf{y} = \mu + \sum_{i=1} \mathbf{W}\mathbf{g}_i + \mathbf{Z}\mathbf{o} + \mathbf{e}$$

kde $\mathbf{y}$ je vektor sledovaného parametru vyjádřený jako plemenná hodnota jedince, μ je fixní efekt celkového průměru, $\mathbf{W}$ je matice spojující záznam každého jedince s jeho odhadovanými aditivními efekty *CSN3* a *LGB* vyjádřenými vektorem $\mathbf{g}$, $\mathbf{Z}$ je matice spojující pozorování jedince s náhodným efektem otce vyjádřeným vektorem $\mathbf{o}$ a $\mathbf{e}$ je vektor náhodných reziduálních efektů.

Výsledky a diskuze

U lokusu *CSN3* byl zaznamenán nejvyšší výskyt alely *A* (60 %), nižší výskyt alely *B* (38 %) a pouze 2 % zastoupení alely *E*. Nejvyšší četnost byla zjištěna u genotypu *AB* (47 %), genotyp *AA* tvořil 35 %, genotyp *BB* zaujímal 13 % a genotypy *BE* a *AE* tvořily jen 3 % a 2 %. Statisticky významné rozdíly mezi genotypy *CSN3* byly zjištěny pouze v případě parametrů produkce a obsahu bílkovin, a to mezi genotypy *AA* a *AB* u produkce bílkovin a *AB* a *BB* u obsahu bílkovin v mléce (viz. tabulka). Nejvyšší průměrná plemenná hodnota pro obsah bílkovin v mléce byla zaznamenána u jedinců s genotypem *BB*, nejvyšší hodnoty pro produkci mléka a bílkovin byly zjištěny u jedinců s genotypem *BE*. Naproti tomu Kaminski et al. (2002) zjistili nejvyšší plemennou hodnotu pro produkci mléka, ale nejnižší pro produkci bílkovin u jedinců s genotypem *AA*.

Četnost výskytu alel *LGB* byla téměř shodná (*A* 51 % a *B* 49 %). Nejvíce byl zastoupen genotyp *AB* (50 %), genotyp *AA* zaujímal 26 % a genotyp *BB* 24 %. Přes patrné rozdíly v úrovních plemenných hodnot (viz. tabulka) nebyl zjištěn statisticky významný rozdíl mezi skupinami genotypů *LGB* u žádného ze sledovaných parametrů. Rovněž Neubauerová (2001) nezjistila statisticky významný vztah mezi lokusem *LGB* a úrovní plemenných hodnot býků.

Vztah genotypů *CSN3* a *LGB* k plemenným hodnotám parametrů mléčné užitkovosti

	n	Průměrné plemenné hodnoty pro:
--	---	--------------------------------

Genotyp		Mléko (kg)	Bílkoviny (kg)	Bílkoviny (%)	Tuk (kg)	Tuk (%)
CSN3						
AA	156	-113,3	-2,31*	+0,022	-3,15	+0,020
AB	205	-62,6	-0,45*	+0,019*	-1,84	+0,003
AE	10	-92,0	-1,62	+0,010	-3,56	-0,008
BB	58	-102,1	-2,22	+0,038*	-3,67	+0,007
BE	11	+0,9	+0,11	+0,018	-0,07	-0,011
LGB						
AA	115	-54,4	-0,69	+0,019	-2,37	-0,010
AB	219	-76,6	-1,06	+0,025	-2,36	+0,006
BB	106	-90,4	-2,13	+0,021	-2,64	+0,011

* značí statisticky významný rozdíl $P < 0,05$ mezi dvěma skupinami genotypů označených v rámci jednoho hodnoceného parametru.

Závěr

U sledovaných jedinců českého strakatého skotu byl zjištěn statisticky významný vztah lokusu CSN3 k úrovni plemenných hodnot pro obsah a produkci bílkovin. Nejvyšší plemenná hodnota pro obsah bílkovin byla spojena s genotypem BB a nejvyšší plemenná hodnota pro produkci bílkovin s genotypem BE. V případě lokusu LGB nebyl zaznamenán statisticky významný vztah k žádnému z parametrů.

Tato práce vznikla za finanční podpory projektu MZe 0002701402.

Použitá literatura

- Fl'ak P. (2000): Význam MPS/MAS v chove HD: Biometricko-genetická problematika - jej súčasný stav. Aktuální problémy šlechtění, chovu, zdraví a produkce skotu. In: Sb. 8. mezinárodní konference, 8.-9.2.2000, 32-34.
- Jandurová O., Štípková M., Kottová B. (2002): Polymorfismus alel mléčných bílkovin u skotu a šlechtění na kvalitu mléčné bílkoviny. *Náš chov*, 8:27-30.
- Kaminski S., Rymkiewicz-Schymczyk J., Wojcik E., Rusc A. (2002): Associations between bovine milk protein genotypes and haplotypes and the breeding value of Polish Black-and-White bulls. *J. Anim. Feed Sci.*, 11:205-221.
- Neubauerová V. (2001): Detekce genetických markerů a možnosti jejich využití u skotu a dalších kopytníků. Disertační práce. JU v Českých Budějovicích, 211.
- Saiki R. K., Scharf S., Faloona F., Mullis K. B., Horn G. T., Erlich H. A., Arnheim N. (1985): Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. *Science*, 230:1350-1354.
- Smith H. O., Wilcox K. W. (1970): A restriction enzyme from *Haemophilus influenzae*. I. Purification and general properties. *J. Mol. Biol.*, 51:379-391.